

424 198-1

IGFA_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+.. MSSSHLFVALCLLLTFTSSATA---GPETLCGAELVDALQFVCGDRGFYFN---KPTGVGSSRRAPQT---
IGF2_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+.. MGIPMGKSMVLLTFLAFASCCIA---AYRSETILCGGELVDTLQFVCGDRGFYFSRPA---SRVRRSR---
INS_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+.. MALWMRLPLALLALWGPDPAAA---FVNQHLGSHLVEALYLVGGERGFFYTPKTRR---EADLQVQVELGGGAGSLQPLALEGSLQKR---
REL2_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+.. MPRLFFHLLGVCLLLNQFSRAVA---DSWMEEVIKLGGRELVRQAIACGMSTWSKR---SLSOEDAPQTRPRVAEIVPSFINKDTETINMMSEFVANLPQELK---
REL1_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+.. MPRLFLHLLLEFCLLLNQFSRAVAA---KWKQDVIKLGGRELVRQAIACGMSTWSKR---SLSOEDAPQTRPRVAEIVPSFINKDTETIIIMLEFIANLPPELK---
HSLILH	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+.. MDPRLPAWALVLLGPALVFALGPA---PTPEMREKLCGHFVRALVRVCGGPRWTEARR---PAAGGDLPTQSHHRRH---
INSL4	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+..100..+.. MASLFRSYLPATWLLLSQLRESLA---AELRGCGPRFGKHLISYCPMPEKFTTTPGML---LESGRPKENWSTSNKQDQALGTTSEFIPNLSPELKKPLSEGOPLS---
zins2_rat	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+.. MKQLCCSCLLLWGLLLA---PFSQDEEVTSPTKLCGROLLVEVVKLGQNDWSRF---SMEEQSPMTELVPQYTRVKVTFNPHRSSSSWGRFTNPGVSQKKATHT---
zins2_human	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+..100..+.. MPRLRLSLLWGLLLV---RFSRELSOTSSARKLGRYLVKETEKLGHANWSQF---RFEETPFPSRLIADASEKVEAYSPYQFESPQTASPARGRGTNPVSTS---
IGFA_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+..100..+.. GIVECCCFRSCOLRLEMYCAPLKPAKSARSVRAQRHTDM---
IGF2_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+..100..+.. GIVECCCFRSCOLALLETTYCATPAKSEROVSTPPTVLPON---
INS_HUMAN	100..+..110..+..120..+..130..+..140..+..150..+..160..+..170..+..180..+.. LTLSEMPALPOLQOHVPVLKDSLLFEEFKLIRNRQSEADSSPELKYLGLOTHSRKKR---QLYSALANKGCHVGCTKRSLARFC---
REL2_HUMAN	100..+..110..+..120..+..130..+..140..+..150..+..160..+..170..+..180..+.. AALSERQPSLPQLQYVPALKDSNLSFEFKLIRNRQSEADSNPELKYLGLOTHSOKKR---RPYVALFEKCCILIGCTKRSIAKYC---
REL1_HUMAN	1..+..10..+..20..+..30..+..40..+..50..+..60..+..70..+..80..+..90..+..100..+.. AAATNPARYCYCLSGCTQDILLTLCPY---
HSLILH	1..+..110..+.. KKTILSRKKR---
INSL4	1..+..110..+..120..+..130..+..140..+..150..+..160..+..170..+..180..+.. WESQSLPNYQLKKEELLPKTGVSYSYHGGKPYVSKVFKKNTDKMSTFSGLFWGNHPQKRR---GFADKCAIGCSKEELAVACLPFVDF---
zins2_rat	1..+..110..+..120..+..130..+..140..+..150..+..160..+..170..+..180..+..190..+..200..+..210..+.. WEEAVNSWEMOSLPEYKDKKGYSPLGKTRFSSSHINIVYTHENAKFOKRRNKIKTLSNLFWGHHPQKRR---GYSEKCCLTGCTKEELSIACLPYIDFKRLKEKRSLVTKI---
zins2_human	1..+..110..+..120..+.. PKTQKEVHLKNASRGSAKNKNYRM---

FIGURE 1A

424 198.1

IGF2_HUMAN	+...110.+...120.+...130.+...140.+...150.+...160.+...170.+...180
	FPRYPVGKFFQYDTWKSTQRLRRGLPALRRARGHVLAKELFAFEAKRHRPLIALPTQDPAHGAPPEMASNRK
INS_HUMAN	+...110.+...120.+...130.+...140.+...150.+...160.+...170.+...180
REL2_HUMAN	+...110.+...120.+...130.+...140.+...150.+...160.+...170.+...180
REL1_HUMAN	+...110.+...120.+...130.+...140.+...150.+...160.+...170.+...180
HSL1LH	+...110.+...120.+...130.+...140.+...150.+...160.+...170.+...180
INSL4	+...110.+...120.+...130.+...140.+...150.+...160.+...170.+...180
zins2_rat	+...110.+...120.+...130.+...140.+...150.+...160.+...170.+...180
zins2_human	Y

**FIGURE 1B**